1	MIIDSKTTLPRHSLIHTIKLNSNKKYGPGDMTNGNQFIISKQEW	44
1	:: : . . . :: :. : MILGNGKTLPKHIRLAHIFATQNSSAKKDNPLGPEGMVTKDGFIISKEEW	50
	ATIGAYIQTGLGLPVNEQQLRTHVNLSQDISIPSDFSQLYDVYCSDKTSA :. :	94
	AFVQAYVTTGTGLPINDDEMRRHVGLPSRIQIPDDFNQLYKVYNEDKHLC	100
95	EWWNKNLYPLIIKSANDIASYGFKVAGDPSIKKDGYFKKLQDELDNIVDN	144
101	. : :	148
145	NSDDDAIAKAIKDFKARCGILIKEAKQYEEAAKNIVTSLDQFLHGDQ	191
149	GYDKVAQEKAHKDLQARCKILIKEADQYKAAADDVSKHLNTFLKGGQDSD	198
192	. KKLEGVINIQKRLKEVQTALNQAHGESSPAHKELLEKVKNLKTTLERTI	240
199	: .: . : : :. 	248
241	KAEQDLEKKVEYSFLLGPLLGFVVYEILENTAVQHIKNQIDEIKKQLDSA	290
249	KAENELEKKVKMSFALGPLLGFVVYEILELTAVKSIHKKVEALQAELDTA	298
291	QHDLDRDVKIIGMLNSINTDIDNLYSQGQEAIKVFQKLQGIWATIGAQIE	340
299	: : : : : : : : : : :	348
341	NLRTTSLQEVQDSDDADEIQIELEDASDAWLVVAQEARDFTLNAYSTNSR	390
349	NLRETSLKEIEEENDDDALYIELGDAAGQWKEIAEEAQSFVLNAYTP	395
391	QNLPINVISDSCNCSTTNMTSNQYSNPTTNMTSNQYMISHEYTSLPNNFM	440